



Contents

- 525 Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness
- 539 WHO seasonal influenza vaccination recommendations during the COVID-19 pandemic

Sommaire

- 525 Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A zoonotiques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie
- 539 Recommandations du SAGE de l'OMS pour la vaccination contre la grippe saisonnière pendant la pandémie de COVID-19

Antigenic and genetic characteristics of zoonotic influenza A viruses and development of candidate vaccine viruses for pandemic preparedness

October 2020

The development of influenza candidate vaccine viruses (CVVs), coordinated by WHO, remains an essential component of the overall global strategy for influenza pandemic preparedness.

Selection and development of CVVs are the first steps towards timely vaccine production and do not imply a recommendation for initiating manufacture. National authorities may consider the use of one or more of these CVVs for pilot lot vaccine production, clinical trials and other pandemic preparedness purposes based on their assessment of public health risk and need.

Zoonotic influenza viruses continue to be identified and evolve both genetically and antigenically, leading to the need for additional CVVs for pandemic preparedness purposes. Changes in the genetic and antigenic characteristics of these viruses relative to existing CVVs and their potential risks to public health justify the need to select and develop new CVVs.

This document summarises the genetic and antigenic characteristics of recent zoonotic influenza viruses and related viruses circulating in animals¹ that are relevant to CVV updates. Institutions

¹ For information relevant to other notifiable influenza virus infections in animals refer to http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A zoonotiques et mise au point de virus vaccinaux candidats pour se préparer à une pandémie

Octobre 2020

La mise au point de virus grippaux vaccinaux candidats, sous la coordination de l'OMS, demeure une composante essentielle de la stratégie mondiale globale de préparation aux pandémies.

La sélection et la mise au point de virus vaccinaux candidats représentent les premières étapes vers la production de vaccins en temps utile mais n'impliquent pas qu'il soit recommandé d'en démarrer la fabrication. Les autorités nationales peuvent envisager d'utiliser un ou plusieurs de ces virus vaccinaux candidats pour la production de lots pilotes de vaccins, la réalisation d'essais cliniques et d'autres opérations de préparation à une pandémie, en fonction de leur évaluation des risques et des besoins en matière de santé publique.

On continue d'identifier des virus grippaux zoonotiques qui présentent des évolutions à la fois génétiques et antigéniques, d'où la nécessité de mettre au point des virus vaccinaux candidats supplémentaires pour se préparer aux pandémies. L'évolution des caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus par rapport aux virus vaccinaux candidats existants et les risques potentiels qui en résultent pour la santé publique justifient que l'on sélectionne et que l'on mette au point de nouveaux virus vaccinaux candidats.

Le présent document récapitule les caractéristiques génétiques et antigéniques des virus grippaux zoonotiques récemment isolés, ainsi que des virus apparentés qui circulent chez les animaux¹ et qui présentent un intérêt pour

¹ Pour toute information relative aux autres infections grippales à notifier chez l'animal, consulter: http://www.oie.int/wahis_2/public/wahid.php/Wahidhome/Home/index/newlang/fr?

interested in receiving these CVVs should contact WHO at gisrs-whohq@who.int or the institutions listed in announcements published on the WHO website.²

Influenza A(H5)

Since their emergence in 1997, highly pathogenic avian influenza (HPAI) A(H5) viruses of the A/goose/Guangdong/1/96 haemagglutinin (HA) lineage have become enzootic in some countries, have infected wild birds and continue to cause outbreaks in poultry and sporadic human infections. These viruses have diversified genetically and antigenically, leading to the need for multiple CVVs. Notably, H5 viruses have been detected with the N1 gene segment replaced by N2, N3, N5, N6, N8 or N9 gene segments. This summary provides updates on the characterization of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses and the current status of the development of influenza A(H5) CVVs.

Influenza A(H5) activity from 25 February to 30 September 2020

No human infections with A/goose/Guangdong/1/96-lineage viruses were reported in this period. Since 2003, there have been 24 A(H5N6) and 861 A(H5N1) human infections confirmed. A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses were detected in domestic and wild birds in several countries (*Table 1*).

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H5) viruses

The nomenclature for phylogenetic relationships among the HA genes of A/goose/Guangdong/1/96-lineage A(H5) viruses is defined in consultation with representatives of WHO, the Food and Agriculture Organization of the United Nations (FAO), the World Organisation for Animal Health (OIE) and academic institutions.³

A(H5) viruses circulating and/or characterized from 25 February to 30 September 2020 belong to the following clades:

Clade 2.3.2.1a viruses were detected in poultry in Bangladesh and India. The majority of viruses tested from Bangladesh reacted well with a post-infection ferret antiserum raised against A/duck/Bangladesh/17D1012/2018, for which a CVV is in development.

Clade 2.3.2.1c viruses were detected in poultry in Viet Nam and Cambodia. Viruses from Viet Nam reacted well with post-infection ferret antisera raised against

l'actualisation des virus vaccinaux candidats. Les institutions souhaitant recevoir ces virus vaccinaux candidats devront prendre contact avec l'OMS, à l'adresse gisrs-whohq@who.int, ou avec les institutions dont les noms figurent dans les communiqués publiés sur le site Web de l'OMS.²

Grippe A(H5)

Depuis leur émergence en 1997, les virus de la grippe aviaire A(H5) hautement pathogènes présentant le gène de l'hémagglutinine (HA) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 sont devenus enzootiques dans certains pays, ont infecté les oiseaux sauvages et continuent de provoquer des flambées épidémiques parmi les volailles, ainsi que des infections sporadiques chez l'homme. Ces virus se sont diversifiés sur le plan génétique et antigénique, ce qui impose de mettre au point plusieurs virus vaccinaux candidats. En particulier, des virus H5 porteurs d'une substitution génétique du segment N1 par des segments N2, N3, N5, N6, N8 ou N9 ont été détectés. Le présent résumé fait le point sur la caractérisation des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 et sur l'état d'avancement de la mise au point de virus vaccinaux candidats devant entrer dans la composition d'un vaccin contre la grippe A(H5).

Activité de la grippe A(H5) du 25 février au 30 septembre 2020

Aucune infection humaine par des virus de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 n'a été notifiée durant cette période. Depuis 2003, on a recensé 24 infections humaines confirmées par des virus A(H5N6) et 861 par des virus A(H5N1). Des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 ont été détectés chez des oiseaux domestiques et sauvages dans plusieurs pays (*Tableau 1*).

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H5)

La nomenclature des liens de parenté phylogénétiques existant entre les gènes HA des virus A(H5) de la lignée A/goose/Guangdong/1/96 est définie en consultation avec des représentants de l'OMS, de l'Organisation des Nations Unies pour l'alimentation et l'agriculture (FAO), de l'Organisation mondiale de la santé animale (OIE) et d'établissements universitaires.³

Les virus A(H5) circulants et/ou caractérisés entre le 25 février et le 30 septembre 2020 appartenaient aux clades suivants:

Clade 2.3.2.1a Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles au Bangladesh et en Inde. La majorité des virus provenant du Bangladesh qui ont été testés ont bien réagi avec un antisérum de furet postinfection dirigé contre la souche A/duck/Bangladesh/17D1012/2018, à partir de laquelle un virus vaccinal candidat est en cours de préparation.

Clade 2.3.2.1c Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles au Viet Nam et au Cambodge. Les virus provenant du Viet Nam ont bien réagi avec des antisérums de furet

² See http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/candidates_reagents/home/en/

³ See <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12324/epdf>

² Voir http://www.who.int/influenza/vaccines/virus/candidates_reagents/home/en/

³ Voir <http://onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1111/irv.12324/epdf>

Table 1 **Recent A(H5) activity reported to international agencies since February 2020**
 Tableau 1 **Activité de la grippe A(H5) signalée aux agences internationales depuis février 2020**

Country, area or territory – Pays, zone ou territoire	Host – Hôte	Genetic clade ^a (subtype) – Clade génétique (sous-type) ^a
Bangladesh	Poultry – Volaille	2.3.2.1a (H5N1), 2.3.4.4h (H5N6)
Bulgaria – Bulgarie	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Cambodia – Cambodge	Poultry – Volaille Poultry – Volaille	2.3.4.4h (H5N6) 2.3.2.1c (H5N1)
China – Chine	Poultry – Volaille	2.3.4.4h (H5N6)
China, Taiwan SAR – Chine, RAS de Taïwan	Poultry – Volaille Poultry – Volaille	2.3.4.4c (H5N2) 2.3.4.4c (H5N5)
Czech Republic – République tchèque	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Egypt – Égypte	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Germany – Allemagne	Wild birds – Oiseaux sauvages Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Hungary – Hongrie	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
India – Inde	Wild birds – Oiseaux sauvages Poultry – Volaille	2.3.2.1a (H5N1) 2.3.2.1a (H5N1)
Iraq	Poultry – Volaille	TBD (H5N8)
Kazakhstan	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	TBD (H5) TBD (H5)
Poland – Pologne	Poultry – Volaille Poultry – Volaille	TBD (H5N6) TBD (H5N8)
Philippines	Poultry – Volaille	TBD (H5N6)
Romania – Roumanie	Poultry – Volaille	2.3.4.4b (H5N8)
Russian Federation – Fédération de Russie	Poultry – Volaille Wild birds – Oiseaux sauvages	2.3.4.4b (H5N8) 2.3.4.4b (H5N8)
Viet Nam	Poultry – Volaille	2.3.2.1c (H5N1); 2.3.4.4g (H5N6); 2.3.4.4h (H5N6)

^a Using proposed update to the unified nomenclature for highly pathogenic avian influenza A(H5) viruses. – Selon la mise à jour proposée de la nomenclature unifiée des virus aviaires A(H5) hautement pathogènes.

TBD: to be determined. – TBD: à déterminer.

A/duck/Vietnam/NCVD-1584/2012 and its corresponding CVV.

Clade 2.3.4.4b viruses were detected in poultry and/or wild birds in Bulgaria, Czech Republic, Egypt, Germany, Hungary, Romania and the Russian Federation, with evidence of multiple separate introductions into some countries. Most recent *clade 2.3.4.4b* viruses reacted well with post-infection ferret antiserum raised against the CVV developed from A/Fujian-Sanyuan/21099/2017.

Clade 2.3.4.4c viruses were detected in poultry in Taiwan, province of China. Compared with the most closely related CVV, A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014, there were up to 9 amino acid differences in the HA. No antigenic data are available for these viruses.

postinfection dirigés contre la souche A/duck/Vietnam/NCVD-1584/2012 et les virus vaccinaux candidats correspondants.

Clade 2.3.4.4b Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles et/ou des oiseaux sauvages en Allemagne, en Bulgarie, en Égypte, en Fédération de Russie, en Hongrie, en République tchèque et en Roumanie, avec des signes d'introductions multiples et distinctes dans certains pays. Les virus du clade 2.3.4.4b les plus récemment isolés ont bien réagi avec l'antisérum de furet postinfection dirigé contre le virus vaccinal candidat mis au point à partir de la souche A/Fujian-Sanyuan/21099/2017.

Clade 2.3.4.4c Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles dans la province chinoise de Taïwan. Ils présentaient jusqu'à 9 différences d'acides aminés au sein de l'hémagglutinine par rapport au virus vaccinal candidat le plus étroitement apparenté, A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014. Aucune donnée antigénique n'est disponible pour ces virus.

Clade 2.3.4.4g viruses were detected in poultry in Viet Nam. These viruses were genetically related to viruses detected in Viet Nam in previous years (*Figure 1*), which were recognised well by antisera raised against the A/Fujian-Sanyuan/21099/2017 (clade 2.3.4.4b) CVV and A/chicken/Vietnam/NCVD-15A59/2015, the wild type virus recommended for the development of a clade 2.3.4.4f CVV. However, the recently detected viruses reacted poorly with these antisera (*Table 2*).

Clade 2.3.4.4h viruses were detected in poultry and/or wild birds in Bangladesh, Cambodia, China and Viet Nam. The HAs of most of these viruses had fewer than 10 amino acid differences relative to that of A/Guangdong/18SF020/2018, the closest virus from which a CVV has been proposed. Preparation of post-infection ferret antisera against clade 2.3.4.4h viruses is underway to allow antigenic characterization of these viruses.

Influenza A(H5) candidate vaccine viruses

Based on current antigenic, genetic and epidemiologic data, a new A(H5N6) clade 2.3.4.4g CVV antigenically like A/chicken/Vietnam/RAHO4-CD-20-421/2020 is proposed. The available and pending A(H5) CVVs are listed in *Table 3*.

Clade 2.3.4.4g Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles au Viet Nam. Ces virus étaient génétiquement apparentés à ceux détectés dans ce pays au cours des années précédentes (*Figure 1*), qui étaient bien reconnus par des antisérums dirigés contre le virus vaccinal candidat mis au point à partir de la souche A/Fujian-Sanyuan/21099/2017 (clade 2.3.4.4b) et contre la souche A/chicken/Vietnam/NCVD-15A59/2015, le virus de type sauvage recommandé pour la mise au point du virus vaccinal candidat du clade 2.3.4.4f. Toutefois, les virus récemment détectés ont mal réagi avec ces antisérums (*Tableau 2*).

Clade 2.3.4.4h Des virus de ce clade ont été détectés chez des volailles et/ou des oiseaux sauvages au Bangladesh, au Cambodge, en Chine et au Viet Nam. Les HA de la plupart de ces virus présentaient moins de 10 différences d'acides aminés par rapport à celles de la lignée A/Guangdong/18SF020/2018, le virus le plus proche à partir duquel un virus vaccinal candidat a été proposé. La préparation d'antisérums de furet postinfection dirigés contre les virus clade 2.3.4.4h est en cours pour permettre la caractérisation antigénique de ces virus.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H5)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, un nouveau virus vaccinal candidat de type A(H5N6), clade 2.3.4.4g, analogue sur le plan antigénique à la souche A/chicken/Vietnam/RAHO4-CD-20-421/2020 est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H5) disponibles et en attente sont recensés dans le *Tableau 3*.

Table 2 **Haemagglutination inhibition assay of recent clade 2.3.4.4g influenza A(H5N6) viruses**

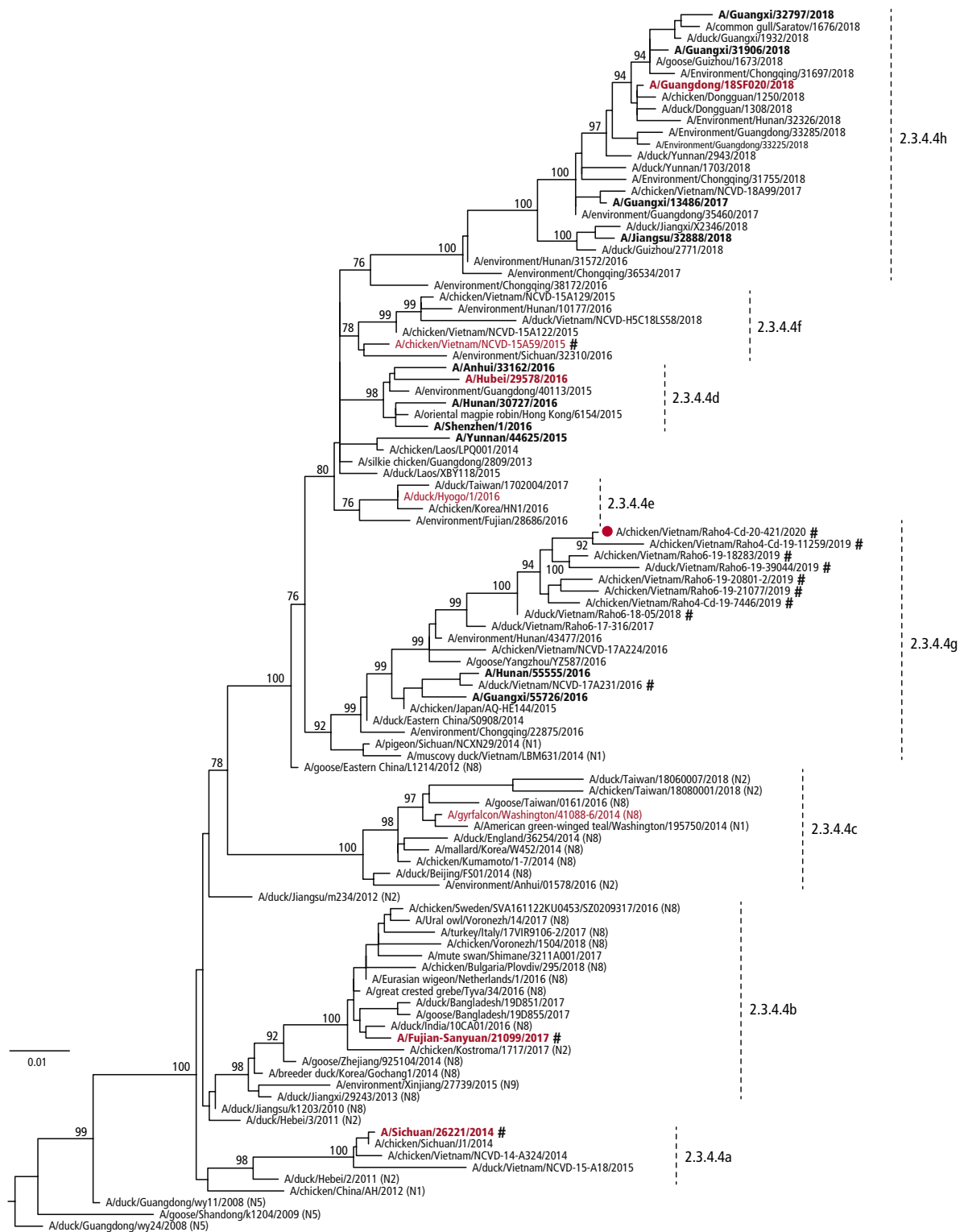
Tableau 2 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les récents virus grippaux A (H5N6) du clade 2.3.4.4g**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	IDCDC-RG42A	CNIC-FJ21099	ck/ 15A59	dk/ 17A231
IDCDC-RG42A (A/Sichuan/26221/2014-like)	2.3.4.4a	320	160	80	160
CNIC-FJ21099 (A/Fujian-Sanyuan/21099/2017-like)	2.3.4.4b	20	80	80	80
A/chicken/Vietnam/NCVD-15A59/2015	2.3.4.4f	40	40	80	40
A/duck/Vietnam/NCVD-17A231/2016	2.3.4.4g	20	20	40	40
Test antigens – Antigènes d'épreuve					
A/chicken/Vietnam/RAHO6-19-18283/2019	2.3.4.4g	<10	10	10	20
A/chicken/Vietnam/RAHO6-19-20801-2/2019	2.3.4.4g	20	40	80	80
A/chicken/Vietnam/RAHO6-19-21077/2019	2.3.4.4g	<10	<10	<10	10
A/duck/Vietnam/RAHO6-19-39044/2019	2.3.4.4g	<10	<10	10	10
A/chicken/Vietnam/RAHO4-CD-19-7446/2019	2.3.4.4g	<10	10	10	40
A/chicken/Vietnam/RAHO4-CD-19-11259/2019	2.3.4.4g	<10	<10	<10	<10
A/chicken/Vietnam/RAHO4-CD-20-421/2020	2.3.4.4g	<10	10	10	20

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Figure 1 **Phylogenetic relationships of A(H5) clade 2.3.4.4 haemagglutinin genes**

Figure 1 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H5) appartenant au clade 2.3.4.4**



The available candidate vaccine viruses appear in red. The proposed vaccine candidate is indicated by (●); all human viruses are in bold font. The viruses tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). NA subtypes other than N1 are specified. The tree was built from the nucleotide sequences coding for the mature HA1 protein. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. A/Anhui/1/20505 (clade 2.3.4) is used to root the tree. – Les virus vaccinaux candidats disponibles apparaissent en rouge. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (●); tous les virus humains sont indiqués en caractères gras. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). Les sous-types de NA autres que N1 sont spécifiés. L'arbre a été constitué à partir des séquences nucléotidiques codant pour la protéine mature HA1. La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés. Le virus A/Anhui/1/20505 (clade 2.3.4) est utilisé pour enracer l'arbre.

Table 3 **Status of influenza A(H5) candidate vaccine virus development^a**
 Tableau 3 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H5)^a**

Candidate vaccine viruses^b – Virus vaccinaux candidats^b	Clade	Institution*	Available – Disponible
CDC-RG (A/Viet Nam/1203/2004)	1	CDC	Yes – Oui
SJRG-161052 (A/Viet Nam/1203/2004)	1	SJCRH	Yes – Oui
NIBRG-14 (A/Viet Nam/1194/2004)	1	NIBSC	Yes – Oui
NIBRG-88 (A/Cambodia/R0405050/2007)	1.1	NIBSC	Yes – Oui
IDCDC-RG34B (A/Cambodia/X0810301/2013)	1.1.2	CDC	Yes – Oui
SJRG-166614 (A/duck/Hunan/795/2002)	2.1.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
CDC-RG2 (A/Indonesia/5/2005)	2.1.3.2	CDC	Yes – Oui
NIIDRG-9 (A/Indonesia/NIHRD11771/2011)	2.1.3.2a	NIID	Yes – Oui
SJRG-163222 (A/bar-headed goose/Qinghai/1A/2005)	2.2	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IBCDC-RG7 (A/chicken/India/NIV33487/2006)	2.2	CDC/NIV	Yes – Oui
SJRG-163243 (A/whooper swan/Mongolia/244/2005)	2.2	SJCRH	Yes – Oui
IDCDC-RG11 (A/Egypt/2321-NAMRU3/2007)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
NIBRG-23 (A/turkey/Turkey/1/2005)	2.2.1	NIBSC	Yes – Oui
IDCDC-RG29 (A/Egypt/N03072/2010)	2.2.1	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG13 (A/Egypt/3300-NAMRU3/2008)	2.2.1.1	CDC	Yes – Oui
NIBRG-306 (A/Egypt/N04915/2014)	2.2.1.2	NIBSC	Yes – Oui
SJRG-166615 (A/common magpie/Hong Kong/5052/2007)	2.3.2.1	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IDCDC-RG30 (A/Hubei/1/2010)	2.3.2.1a	CDC	Yes – Oui
SJ007 (A/duck/Bangladesh/19097/2013)	2.3.2.1a	SJCRH	Yes – Oui
SJ003 (A/barn swallow/Hong Kong/D10-1161/2010)	2.3.2.1b	SJCRH/HKU	Yes – Oui
NIBRG-301 (A/duck/Vietnam/NCVD-1584/2012)	2.3.2.1c	NIBSC	Yes – Oui
SJ002 (A/chicken/Hong Kong/AP156/2008)	2.3.4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IBCDC-RG6 (A/Anhui/1/2005)	2.3.4	CDC	Yes – Oui
CBER-RG1 (A/duck/Laos/3295/2006)	2.3.4	FDA	Yes – Oui
SJRG-164281 (A/Japanese white eye/Hong Kong/1038/2006)	2.3.4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IDCDC-RG36 (A/chicken/Bangladesh/11rs1984-30/2011)	2.3.4.2	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG35 (A/Guizhou/1/2013)	2.3.4.2	CDC/CCDC	Yes – Oui
IDCDC-RG42A (A/Sichuan/26221/2014) (H5N6)	2.3.4.4a	CDC/CCDC	Yes – Oui
IDCDC-RG43A (A/gyrfalcon/Washington/41088-6/2014) (H5N8)	2.3.4.4c	CDC	Yes – Oui
NIID-001 (A/duck/Hyogo/1/2016) (H5N6)	2.3.4.4e	NIID	Yes – Oui
SJRG-165396 (A/goose/Guiyang/337/2006)	4	SJCRH/HKU	Yes – Oui
IDCDC-RG12 (A/chicken/Vietnam/NCVD-016/2008)	7.1	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG25A (A/chicken/Vietnam/NCVD-03/2008)	7.1	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Clade	Institution	Available – Disponible
A/duck/Bangladesh/17D1012/2018-like	2.3.2.1a	CDC	Pending – En attente
A/chicken/Guiyang/1153/2016-like	2.3.2.1d	SJCRH/HKU	Pending – En attente
A/chicken/Ghana/20/2015-like	2.3.2.1f	CDC	Pending – En attente
A/chicken/Vietnam/NCVD-15A59/2015 (H5N6)-like	2.3.4.4f	SJCRH	Pending – En attente
A/Guangdong/18SF020/2018 (H5N6)-like	2.3.4.4h	CDC/CCDC	Pending – En attente
A/Fujian-Sanyuan/21099/2017 (H5N6)-like	2.3.4.4b	CCDC	Pending – En attente
A/Hubei/29578/2016 (H5N6)-like	2.3.4.4d	CCDC	Pending – En attente
A/chicken/Vietnam/RAHO4-CD-20-421/2020 (H5N6)-like	2.3.4.4g	CDC	Pending – En attente

^a All listed candidate vaccine viruses have been produced using reverse genetics.. – Tous les virus vaccinaux candidats recensés ont été produits au moyen de la génétique inverse.

^b Where not indicated, the virus subtype is H5N1. – Lorsque le sous-type de virus n'est pas indiqué, il s'agit du sous-type H5N1.

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

FDA: Food and Drug Administration, USA – FDA: Food and Drug Administration, États-Unis

HKU: University of Hong Kong, Hong Kong Special Administrative Region, China – HKU: Université de Hong Kong, Hong Kong, Région administrative spéciale de la Chine

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

NIID: National Institute of Infectious Diseases, Japan – NIID: Institut national des maladies infectieuses, Japon

NIV: National Institute of Virology, India – NIV: National Institute of Virology, Inde

SJCRH: St Jude Children's Research Hospital, USA – SJCRH: St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis

Influenza A(H7)

Human infections with A/Anhui/1/2013 HA lineage avian influenza A(H7N9) viruses were first reported to WHO on 31 March 2013. Other lineages of A(H7) viruses have also caused zoonotic infections in previous years. This summary provides updates on the characterisation of A(H7) viruses related to these zoonotic viruses and the current status of the development of corresponding CVVs.

Influenza A(H7) activity from 25 February to 30 September 2020

No human infections with A(H7), including A/Anhui/1/2013-lineage A(H7N9) viruses, have been detected in this period. Low pathogenicity and/or highly pathogenic A(H7) viruses belonging to different HA lineages were detected in poultry in Australia and the United States of America but were successfully eradicated through control measures.

Influenza A(H7) candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available and pending CVVs for A(H7) viruses including A(H7N9) are listed in *Table 4*.

Influenza A(H9N2)

Influenza A(H9N2) viruses are enzootic in poultry in parts of Africa, Asia and the Middle East with the majority of viruses belonging to either the A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1) or A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9) lineages. Since the late 1990s, when the first human infection was identified, the detection of A(H9N2) viruses in human and swine specimens has been reported sporadically with associated mild disease in most human cases and no evidence for human-to-human transmission. Since 1998 a total of 57 A(H9N2) human infections had been documented. An additional 16 human cases from January and February of 2019 were published recently.⁴ These cases, that included several with severe disease, were detected in Hubei Province, China. The national authorities are currently gathering more information.

Influenza A(H9N2) activity from 25 February to 30 September 2020

Five human cases of A(H9N2) virus infection were detected in China in this period. All cases were mild and in children less than 8 years of age.

Y280/G9-lineage viruses continue to predominate in environmental and poultry samples in China and Viet

Grippe A(H7)

Des infections humaines par des virus grippaux aviaires A(H7N9) présentant le gène HA de la lignée A/Anhui/1/2013 ont été notifiées pour la première fois à l'OMS le 31 mars 2013. D'autres lignées de virus A(H7) ont également causé des infections zoonotiques au cours des années précédentes. Le présent résumé fait le point sur la caractérisation des virus A(H7) apparentés à ces virus zoonotiques et sur l'état d'avancement de la mise au point des virus vaccinaux candidats correspondants.

Activité de la grippe A(H7) du 25 février au 30 septembre 2020

Aucune infection humaine par des virus A(H7), y compris les virus A(H7N9) de la lignée A/Anhui/1/2013, n'a été détectée durant cette période. Des virus A(H7) faiblement et/ou hautement pathogènes appartenant à différentes lignées d'hémagglutinines ont été détectés chez des volailles en Australie et aux États-Unis, mais ont été éradiqués avec succès grâce à des mesures de lutte.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H7)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats disponibles et en attente pour le vaccin contre la grippe A(H7), y compris A(H7N9), sont recensés dans le *Tableau 4*.

Grippe A(H9N2)

Les virus de la grippe A(H9N2) sont enzootiques chez les volailles dans certaines parties de l'Afrique, de l'Asie et du Moyen-Orient, la majorité d'entre eux appartenant soit aux lignées A/quail/Hong Kong/G1/97 (G1) ou A/chicken/Beijing/1/94 (Y280/G9). Depuis la fin des années 1990, lorsque la première infection humaine a été identifiée, la détection de virus A(H9N2) dans des échantillons humains et porcins est notifiée sporadiquement; la maladie associée est bénigne dans la plupart des cas humains et aucun signe de transmission interhumaine n'a été relevé. Depuis 1998, un total de 57 infections humaines par le virus A(H9N2) ont été documentées. Seize autres cas humains recensés en janvier et février 2019 ont récemment fait l'objet d'une publication.⁴ Ces cas, dont plusieurs ont développé une maladie grave, ont été détectés dans la province de Hubei (Chine). Les autorités nationales recueillent actuellement des informations supplémentaires.

Activité de la grippe A(H9N2) du 25 février au 30 septembre 2020

Cinq cas humains d'infection par le virus A(H9N2) ont été détectés en Chine pendant cette période. Les infections ont toutes été bénignes et touchaient des enfants âgés de moins de 8 ans.

Les virus de la lignée Y280/G9 continuent de prédominer dans les échantillons environnementaux et de volailles en Chine et

⁴ Dong X et al. Human H9N2 Avian Influenza Infection: Epidemiological and Clinical Characterization of 16 Cases in China. *Virol Sin.* 2020 Jul 6:1-4.

⁴ Dong X et coll. Human H9N2 Avian Influenza Infection: Epidemiological and Clinical Characterization of 16 Cases in China. *Virol Sin.* 2020 Jul 6:1-4.

Table 4 **Status of influenza A(H7) candidate vaccine virus development**
 Tableau 4 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H7)**

Candidate vaccine virus – Virus vaccinaux candidats	Lineage (subtype) – Lignée (sous-type)	Type	Institution*	Available – Disponible
IDCDC-RG33A (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
NIBRG-268 (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
NIIDRG-10.1 (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIID	Yes – Oui
SJ005 (A/Anhui/1/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
NIBRG-267 (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
CBER-RG4A (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
IDCDC-RG32A (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG32A.3 (A/Shanghai/2/2013)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG56B (A/Hong Kong/125/2017)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG56N (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
NIBRG-375 (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
CBER-RG7C (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
CBER-RG7D (A/Guangdong/17SF003/2016)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	FDA	Yes – Oui
IDCDC-RG64A (A/Gansu/23277/2019-like)	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IBCDC-5 (A/turkey/Virginia/4529/2002)	American (H7N2)	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
SJRG-161984-B (A/Canada/rv444/2004)	American (H7N3)	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
NIBRG-109 (A/New York/107/2003)	American (H7N2)	Conventional – Classique	NIBSC	Yes – Oui
IBCDC-1 (A/mallard/Netherlands/12/2000)	Eurasian (H7N7)	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
NIBRG-60 (A/mallard/Netherlands/12/2000)	Eurasian (H7N3)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
NIBRG-63 (A/mallard/Netherlands/12/2000)	Eurasian (H7N1)	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
Candidate vaccine virus in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Lineage (subtype) – Lignée (sous-type)	Type	Institution	Available – Disponible
A/chicken/Jiangsu/1/2018-like	Eurasian (H7N4)	Reverse genetics – Génétique inverse	CCDC	Pending – En attente
A/Hunan/02650/2016-like	A/Anhui/1/2013 (H7N9)	Reverse genetics – Génétique inverse	CCDC	Pending – En attente

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

FDA: Food and Drug Administration, USA – FDA: Food and Drug Administration, États-Unis

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

NIID: National Institute of Infectious Diseases, Japan – NIID: Institut national des maladies infectieuses, Japon

SJCRH: St Jude Children's Research Hospital, USA – SJCRH: St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis

Nam. G1-lineage viruses were detected in poultry in a number of countries in Africa and Asia.

au Viet Nam. Des virus de la lignée G1 ont été détectés chez des volailles dans un certain nombre de pays d'Afrique et d'Asie.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H9N2) viruses

All recent A(H9N2) human and poultry infections in China, and poultry infections in Viet Nam, were caused by viruses of the Y280/G9-lineage. Four of the viruses

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H9N2)

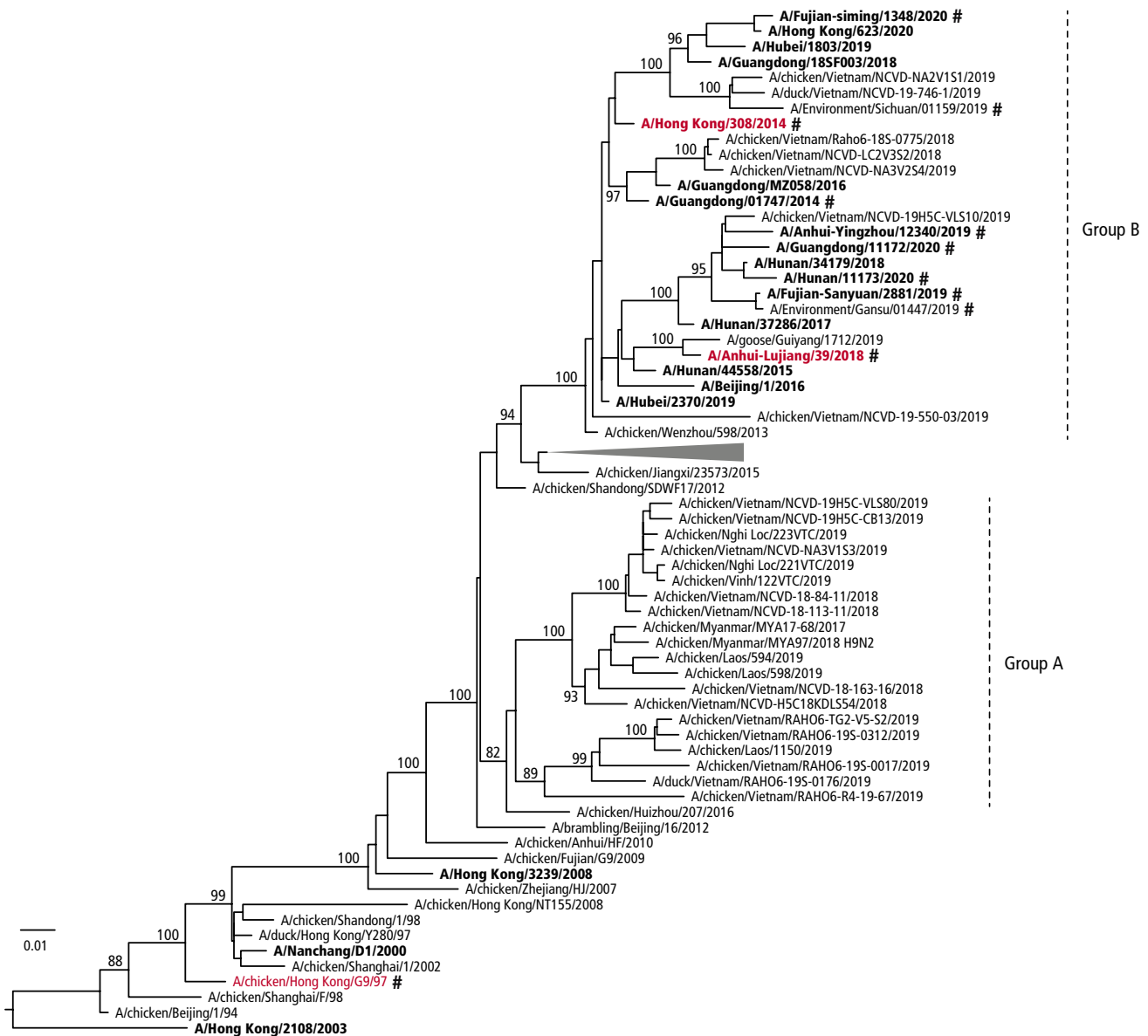
Toutes les infections récentes par les virus A(H9N2) chez l'homme et les volailles en Chine, ainsi que les infections chez les volailles au Viet Nam, ont été causées par des virus de

detected in humans in 2020 were sequenced; three had HA genes showing greatest similarity to the A/Anhui-Lujiang/39/2018 CVV, while the fourth was most similar to the A/Hong Kong/308/2014 CVV (Figure 2). The viruses from humans infected in 2020 reacted well with post-infection ferret antiserum raised against A/Anhui-Lujiang/39/2018 (Table 5). Currently available CVVs were antigenically representative of most A(H9N2)

la lignée Y280/G9. Quatre de ces virus détectés chez l'homme en 2020 ont été séquencés; trois présentaient des gènes HA très similaires à ceux du virus vaccinal candidat A/Anhui-Lujiang/39/2018, tandis que le quatrième était plus proche du virus vaccinal candidat A/Hong Kong/308/2014 (Figure 2). Les virus isolés chez les personnes infectées en 2020 ont bien réagi avec l'antisérum de furet postinfection dirigé contre A/Anhui-Lujiang/39/2018 (Tableau 5). Les virus vaccinaux candidats

Figure 2 **Phylogenetic relationships of A(H7N9) Y280-like haemagglutinin genes**

Figure 2 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux de type A(H7N9)**



The available or in preparation candidate vaccine viruses appear in red. The proposed vaccine candidate is indicated by (*). Human viruses are in bold font. The viruses tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). The tree was built from the nucleotide sequences coding for the mature HA1 protein. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. Some branches of virus strains are collapsed into grey triangles for clarity. – Les virus vaccinaux candidats disponibles ou en préparation apparaissent en rouge. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (*). Les virus humains sont indiqués en caractères gras. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). L'arbre a été constitué à partir des séquences nucléotidiques codant pour la protéine mature HA1. La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés. Certaines branches des souches virales sont condensées dans les triangles gris pour plus de clarté.

Table 5 **Haemagglutination inhibition assay of recent human A(H9N2) influenza viruses**
 Tableau 5 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les récents virus grippaux humains A(H9N2)**

Reference antigens – Antigènes de référence	Lineage – Lignée	HK/G9	HK/308	Gd/01747	AL/39	HK/G1
A/chicken/Hong Kong/G9/97	Y280/G9	640	80	20	<20	<20
A/Hong Kong/308/2014	Y280/G9	80	5120	5120	640	40
A/Guangdong/01747/2014	Y280/G9	40	2560	2560	1280	20
A/Anhui-Luijiang/39/2018	Y280/G9	20	640	640	2560	<20
A/quail/Hong Kong/G1/97	G1	<20	<20	<20	<20	320
Test antigens – Antigènes d'épreuve						
A/Guangdong/11172/2020	Y280/G9	40	640	640	1280	<20
A/Hunan/11173/2020	Y280/G9	80	1280	1280	2560	<20
A/Fujian-Sanyuan/2881/2019	Y280/G9	40	640	640	640	<20
A/Anhui-Yingzhou/12340/2019	Y280/G9	ND*	ND	640	1280	<20
A/Fujian-Siming/1348/2020	Y280/G9	40	1280	640	640	<20
A/environment/Gansu/01447/2019	Y280/G9	40	1280	1280	640	<20
A/environment/Sichuan/01159/2019	Y280/G9	<20	640	640	2560	<20

* Not determined. – Non déterminé.

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères gras indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Y280/G9- and G1-lineage viruses detected in birds, despite some genetic divergence.

Influenza A(H9N2) candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available and pending A(H9N2) CVVs are listed in *Table 6*.

Influenza A(H1)v⁵

Influenza A(H1) viruses are enzootic in swine populations in most regions of the world. Depending on geographic location, the genetic and antigenic characteristics of these viruses differ. Human infections with swine influenza A(H1) viruses (designated as A(H1)v viruses) have been documented previously in Asia, Europe and the Americas.

Influenza A(H1)v activity from 25 February to 30 September 2020

One case each of A(H1N1)v and A(H1N2)v human infection was identified in Germany and Brazil, respectively. This was the first case of an A(H1N1)v virus infection

actuellement disponibles étaient représentatifs sur le plan antigénique de la plupart des virus des lignées A(H9N2) Y280/G9 et G1 détectés chez les oiseaux, malgré certaines divergences génétiques.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H9N2)

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H9N2) disponibles et en attente sont recensés dans le *Tableau 6*.

Grippe A(H1)v⁵

Les virus grippaux A(H1) sont enzootiques parmi les populations porcines de la plupart des régions du monde. Les caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus diffèrent selon le lieu géographique. Des infections humaines par des virus grippaux porcins A(H1) (dénommés virus A(H1)v) ont été précédemment documentées en Asie, en Europe et dans les Amériques.

Activité de la grippe A(H1)v du 25 février au 30 septembre 2020

Deux cas d'infection humaine, l'un par le virus A(H1N1)v, l'autre par le virus A(H1N2)v, ont été identifiés en Allemagne et au Brésil, respectivement. Il s'agit du premier cas de

⁵ See http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_variant/en/
<https://msphere.asm.org/content/1/6/e00275-16>

⁵ Voir http://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory/terminology_variant/en/
<https://msphere.asm.org/content/1/6/e00275-16>

Table 6 **Status of influenza A(H9N2) candidate vaccine virus development**
 Tableau 6 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H9N2)**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Type	Institution*	Available – Disponible
A/Hong Kong/1073/99	G1	Wild type – Type sauvage	NIBSC	Yes – Oui
NIBRG-91 (A/chicken/Hong Kong/G9/97)	Y280/G9	Reverse genetics – Génétique inverse	NIBSC	Yes – Oui
IBCDC-2 (A/chicken/Hong Kong/G9/97)	Y280/G9	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG26 (A/Hong Kong/33982/2009)	G1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG31 (A/Bangladesh/994/2011)	G1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
SJ008 (A/Hong Kong/308/2014)	Y280/G9	Reverse genetics – Génétique inverse	SJCRH	Yes – Oui
IDCDC-RG61A (A/Anhui-Luijiang/39/2018)	Y280/G9	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC/CCDC	Yes – Oui

Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Type	Clade	Institution	Available – Disponible
A/Oman/2747/2019-like	Reverse genetics – Génétique inverse	G1	CDC	Pending – En attente

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

SJCRH: St Jude Children's Research Hospital, USA – SJCRH: St. Jude Children's Research Hospital, États-Unis

reported in Germany and the second case of an A(H1N2)v virus infection reported in Brazil. Additionally, a case of A(H1N1)v virus infection in the Netherlands in September 2019 was identified retrospectively. All individuals had an uncomplicated course of illness.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H1)v viruses

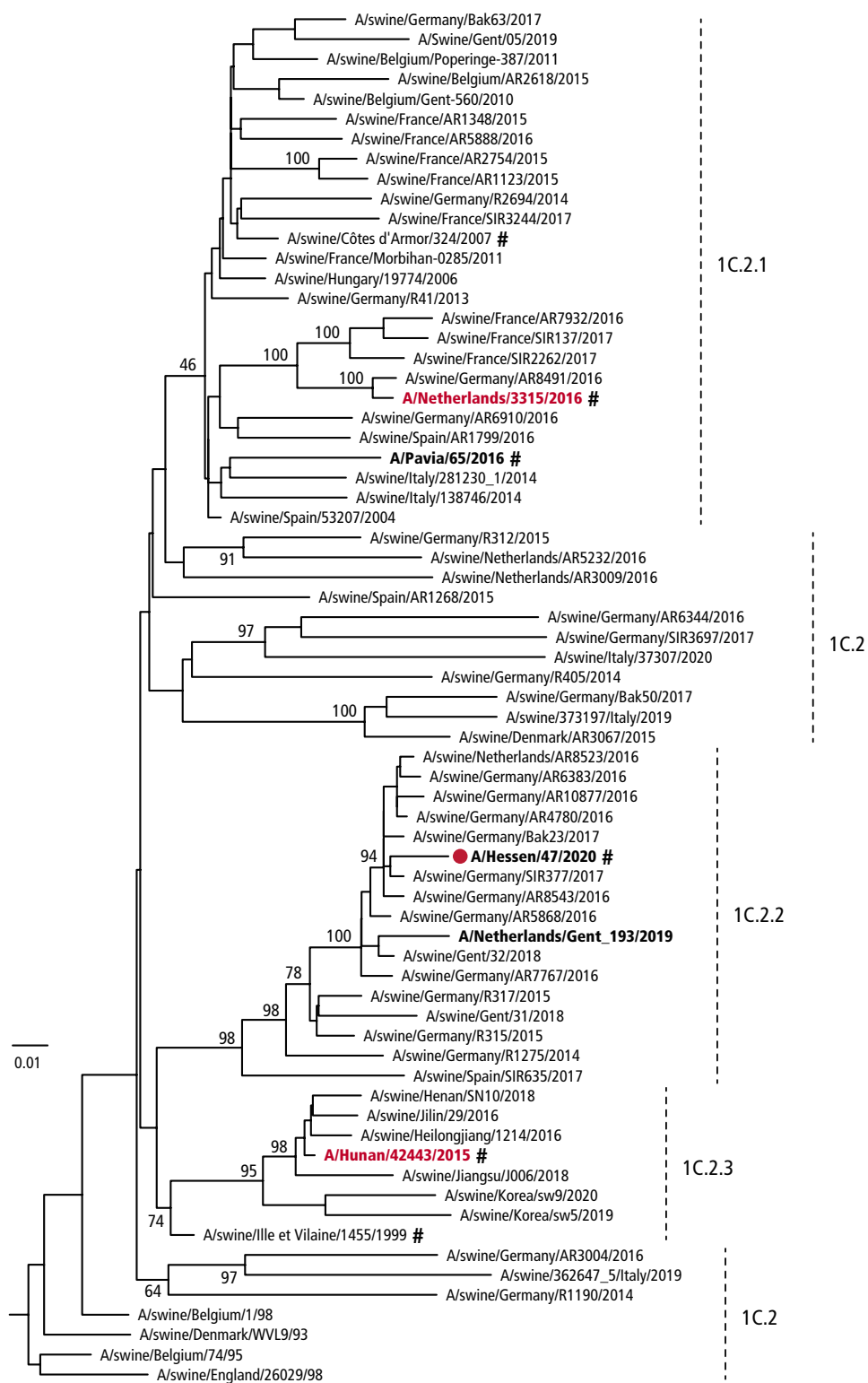
The A(H1N1)v infections were caused by viruses from the 1C.2.2⁶ (Eurasian avian-like) swine influenza virus clade, whereas the A(H1N2)v virus was classified as clade 1B.2. Each virus was genetically related to circulating swine influenza viruses from their respective country (Figure 3). The A(H1N1)v 1C.2.2 virus detected in Germany, A/Hessen/47/2020, had an HA1 that differed by 31 amino acids from that of A/Netherlands/3315/2016 from which a clade 1C.2.1 CVV had been recommended. Similarly, the A/Hessen/47/2020 HA1 differed from that of A/Hunan/42443/2020, from which a clade 1C.2.3 CVV has been recommended, by 30 amino acids. A/Hessen/47/2020 was recognised poorly by ferret antisera raised against A/Netherlands/3315/2016, but was well recognised by ferret antisera raised against clade 1C.2.2 swine influenza viruses and clade 1C.2.3 influenza viruses (Table 7). The A(H1N2)v virus detected in Brazil could not be isolated for antigenic characterisation.

grippe A(H1N1)v notifié en Allemagne et du deuxième cas de grippe A(H1N2)v notifié au Brésil. Un cas d'infection par le virus A(H1N1)v a également été identifié rétrospectivement aux Pays-Bas en septembre 2019. Toutes les personnes touchées ont connu une maladie sans complication.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H1)v

Les virus A(H1N1)v responsables appartenaient au clade des virus grippaux porcins de type aviaire eurasiens 1C.2.2⁶, tandis que le virus A(H1N2)v a été classé comme appartenant au clade 1B.2. Chacun de ces virus était génétiquement apparenté aux virus grippaux porcins en circulation dans leur pays respectif (Figure 3). Le virus A(H1N1)v du clade 1C.2.2 détecté en Allemagne, A/Hessen/47/2020, présentait une HA1 qui différait de 31 acides aminés de celle de la lignée A/Netherlands/3315/2016 à partir de laquelle un virus vaccinal candidat du clade 1C.2.1 avait été recommandé. De même, la HA1 du virus A/Hessen/47/2020 différait de 30 acides aminés de celle de la lignée A/Hunan/42443/2020, à partir de laquelle un virus vaccinal candidat du clade 1C.2.3 a été recommandé. Le virus A/Hessen/47/2020 a été mal reconnu par les antisérums de furets dirigés contre A/Netherlands/3315/2016, mais bien reconnu par ceux dirigés contre les virus grippaux porcins du clade 1C.2.2 et les virus grippaux du clade 1C.2.3 (Tableau 7). Le virus A(H1N2)v détecté au Brésil n'a pas pu être isolé pour la caractérisation antigénique.

Figure 3 **Phylogenetic relationships of Eurasian avian-like influenza A(H1N1)v haemagglutinin genes**
 Figure 3 **Classification phylogénétique des gènes de l'hémagglutinine des virus grippaux A(H1N1)v de type aviaire eurasiens**



The available or in preparation candidate vaccine viruses appear in red. The proposed vaccine candidate is indicated by (•). Human viruses are in bold font. The viruses tested in haemagglutination inhibition assay are indicated by hashes (#). The tree was built from the nucleotide sequences coding for the mature HA1 protein. The scale bar represents the number of substitutions per site. Bootstrap supports of topology are shown above selected nodes. – Les virus vaccinaux candidats disponibles ou en préparation apparaissent en rouge. Le vaccin candidat proposé est indiqué par (•). Les virus humains sont indiqués en caractères gras. Les virus testés au moyen de l'épreuve d'inhibition de l'hémagglutination sont indiqués par le symbole (#). L'arbre a été constitué à partir des séquences nucléotidiques codant pour la protéine mature HA1. La barre d'échelle représente le nombre de substitutions par site. Les valeurs de bootstrap supportant la topologie de l'arbre sont indiquées au-dessus des nœuds sélectionnés.

Table 7 **Haemagglutination inhibition assay of recent A(H1N1)v influenza viruses**

Tableau 7 **Épreuves d'inhibition de l'hémagglutination obtenues avec les récents virus grippaux A (H1N1)v**

Reference antigens – Antigènes de référence	Clade	A/Neth/ 3315	A/Pavia/ 65	sw/Cd'A 324	sw/IV/ 1455	CNIC-1601
A/Netherlands/3315/2016	1C.2.1	320	40	40	<40	<40
A/Pavia/65/2016	1C.2.1	<40	320	<40	80	<40
A/swine/Côtes d'Armor/324/2007	1C.2.2	80	<40	320	40	80
A/swine/Ille et Vilaine/1455/99	1C.2.3	<40	40	<40	160	80
CNIC-1601 (A/Hunan/42443/2015)	1C.2.3	40	<40	160	160	320
Test antigens – Antigènes d'épreuve						
A/Hessen/47/2020	1C.2.2	40	<40	160	160	320

Numbers in **bold** indicate homologous antiserum/antigen titres. – Les chiffres en caractères **gras** indiquent les titres d'antigènes/d'antisérum homologue.

Influenza A(H1)v candidate vaccine viruses

Based on the current antigenic, genetic and epidemiologic data, a new clade 1C.2.2 CVV antigenically like A/Hessen/47/2020 is proposed. The available and pending A(H1)v CVVs are listed in *Table 8*.

Influenza A(H3N2)v

Influenza A(H3N2) viruses are enzootic in swine populations in most regions of the world. Depending on geographic location, the genetic and antigenic

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H1)v

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, un nouveau virus vaccinal candidat du clade 1C.2.2 analogue sur le plan antigénique à la souche A/Hessen/47/2020 est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H1)v disponibles et en attente sont recensés dans le *Tableau 8*.

Grippe A(H3N2)v

Les virus grippaux A(H3N2)v sont enzootiques parmi les populations porcines de la plupart des régions du monde. Les caractéristiques génétiques et antigéniques de ces virus diffèrent

Table 8 **Status of influenza A(H1)v candidate vaccine virus development**

Tableau 8 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H1)v**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Type	Institution*	Available – Disponible
CNIC-1601 (A/Hunan/42443/2015) (H1N1)	1C.2.3	Conventional – Classique	CCDC	Yes – Oui
IDCDC-RG48A (A/Ohio/9/2015) (H1N1)	1A.3.3.3	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG58A (A/Michigan/383/2018) (H1N2)	1B.2.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG59 (A/Ohio/24/2017) (H1N2)	1A.1.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Clade	Type	Institution	Available – Disponible
A/Iowa/32/2016-like (H1N2)	1B.2.2.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente
A/Netherlands/3315/2016-like (H1N1)	1C.2.1	Conventional – Classique	NIBSC	Pending – En attente
A/Ohio/35/2017-like (H1N2)	1B.2.1	Conventional – Classique	NIBSC	Pending – En attente
A/Hessen/47/2020-like (H1N1)	1C.2.2	Conventional – Classique	NIBSC	Pending – En attente

* Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

CCDC: Chinese Center for Disease Control and Prevention, China – CCDC: Centre chinois de contrôle et de prévention des maladies, Chine

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

characteristics of these viruses differ. Human infections with swine influenza A(H3N2) viruses have been documented in Asia, Europe and North America.⁷

Influenza A(H3N2)v activity from 25 February to 30 September 2020

A human case of A(H3N2)v virus infection was reported in the United States of America. The case reported no known exposure to swine, had mild illness, and recovered. Since reporting of novel influenza A viruses became nationally notifiable in 2005, 438 human infections with A(H3N2)v viruses have been reported in the United States of America.

Antigenic and genetic characteristics of influenza A(H3N2)v viruses

The human A(H3N2)v virus had an HA gene showing greatest similarity to that of currently circulating swine influenza viruses that are derived from a live attenuated swine influenza vaccine used in the United States of America. This vaccine virus in this vaccine contains the HA and NA genes from a swine A(H3N2) influenza virus from 1998. The A(H3N2)v virus reacted well to pooled post-vaccination adult human sera, but not to pooled post-vaccination sera from children. The virus also reacted well to post-infection ferret antiserum raised against A/Beijing/32/92, a previous seasonal A(H3N2) vaccine component.

Influenza A(H3N2)v candidate vaccine viruses

Based on the available antigenic, genetic and epidemiologic data, no new CVVs are proposed. The available A(H3N2)v CVVs are listed in *Table 9*.

selon le lieu géographique. Des infections humaines par des virus grippaux porcins A(H3N2) ont été documentées en Asie, en Europe et en Amérique du Nord.⁷

Activité de la grippe A(H3N2)v du 25 février au 30 septembre 2020

Un cas humain d'infection par le virus A(H3N2)v a été notifié aux États-Unis. Le cas n'a indiqué aucune exposition connue à des porcs, a connu une maladie bénigne, et a guéri. Depuis que la déclaration des nouveaux cas de grippe A est devenue obligatoire dans le pays en 2005, 438 infections humaines par des virus A(H3N2)v ont été notifiées aux États-Unis.

Caractéristiques antigéniques et génétiques des virus grippaux A(H3N2)v

Le virus humain A(H3N2)v présentait un gène HA très similaire à celui des virus grippaux porcins qui circulent actuellement et qui sont dérivés d'un virus vaccinal vivant atténué contre la grippe porcine utilisé aux États-Unis. Ce virus vaccinal contient les gènes HA et NA d'un virus grippal porcine A(H3N2) de 1998. Le virus A(H3N2)v a bien réagi au pool de sérums humains prélevés chez des adultes après la vaccination, mais pas au pool de sérums provenant d'enfants post-vaccination. Le virus a également bien réagi à l'antisérum de furet postinfection dirigé contre la souche A/Beijing/32/92, un composant du précédent vaccin A(H3N2) saisonnier.

Virus candidats destinés à la préparation d'un vaccin contre la grippe A(H3N2)v

Au vu des données antigéniques, génétiques et épidémiologiques actuelles, aucun nouveau virus vaccinal candidat n'est proposé. Les virus vaccinaux candidats A(H3N2)v disponibles et en attente sont recensés dans le *Tableau 9*.

Table 9 **Status of influenza A(H3N2)v candidate vaccine virus development**

Tableau 9 **État d'avancement dans la mise au point des virus vaccinaux candidats A(H3N2)v**

Candidate vaccine viruses – Virus vaccinaux candidats	Clade	Type	Institution*	Available – Disponible
A/Minnesota/11/2010 (NYMC X-203)	3.1990.4.A	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
A/Indiana/10/2011 (NYMC X-213)	3.1990.4.A	Conventional – Classique	CDC	Yes – Oui
IDCDC-RG55C (A/Ohio/28/2016-like)	3.2010.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Yes – Oui
Candidate vaccine viruses in preparation – Virus vaccinaux candidats en préparation	Clade	Type	Institution	Available – Disponible
A/Ohio/13/2017-like	3.2010.1	Reverse genetics – Génétique inverse	CDC	Pending – En attente
A/Ohio/28/2016-like	3.2010.1	Conventional – Classique	NIBSC	Pending – En attente

*Institutions developing and/or distributing the candidate vaccine viruses: – Institutions distribuant les virus vaccins candidats:

CDC: Centers for Disease Control and Prevention, USA – CDC: Centers for Disease Control and Prevention, États-Unis

NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, a centre of the Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), United Kingdom – NIBSC: National Institute for Biological Standards and Control, un centre du Medicines and Healthcare products Regulatory Agency (MHRA), Angleterre

⁶ See <http://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V19N18/art20793.pdf>

⁶ Voir <http://www.eurosurveillance.org/images/dynamic/EE/V19N18/art20793.pdf>

Acknowledgements

We acknowledge the WHO Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS) which provides the mechanism for detection and monitoring of emerging zoonotic influenza viruses. We thank the National influenza centres (NICs) of GISRS who contributed information, clinical specimens and viruses, and associated data; WHO Collaborating Centres of GISRS for their in-depth characterization and analysis of viruses and preparation of CVVs; and WHO Essential Regulatory Laboratories of GISRS and WHO H5 Reference Laboratories for their complementary analyses and preparation of CVVs. We thank the OIE/FAO Network of Expertise on Animal Influenza (OFFLU) laboratories for their in-depth characterization and comprehensive analysis of viruses and other national institutions for contributing information and viruses. We also acknowledge the Global Initiative on Sharing All Influenza Data (GISAID) for the EpiFlu database, and other sequence databases which were used to share gene sequences and associated information. ■

Remerciements

Nous saluons la contribution du système mondial de surveillance de la grippe et de riposte (GISRS) de l'OMS, qui offre un moyen de détecter et de surveiller les virus grippaux zoonotiques émergents. Nous remercions également: les centres nationaux de lutte contre la grippe du GISRS, qui ont fourni des informations, des échantillons cliniques, des virus et d'autres données associées; les centres collaborateurs de l'OMS pour leur caractérisation détaillée et leur analyse complète des virus, ainsi que pour la préparation des virus vaccinaux candidats; et les Laboratoires de réglementation essentiels de l'OMS du GISRS et des Laboratoires de référence H5 de l'OMS pour leurs analyses complémentaires et la préparation des virus vaccinaux candidats. Nous sommes reconnaissants aux laboratoires du Réseau d'experts sur la grippe animale (OFFLU) de l'OIE/FAO pour leur caractérisation détaillée et leur analyse complète des virus, ainsi qu'à d'autres institutions nationales, pour les informations et les virus qu'ils ont fournis. Enfin, nous tenons à remercier l'Initiative mondiale d'échange des données sur la grippe aviaire (GISAID) pour la base de données EpiFlu et d'autres banques de données qui ont permis le partage des séquences génétiques et d'autres informations associées. ■

WHO Seasonal influenza vaccination recommendations during the COVID-19 pandemic

Interim guidance, 21 September 2020

This document provides interim recommendations for influenza vaccination during the COVID-19 pandemic. It also provides programmatic considerations for national authorities planning and conducting their influenza vaccination programmes, as well as research considerations to address current knowledge gaps. These interim recommendations on the use influenza vaccines were discussed by the Strategic Advisory Group of Experts (SAGE) on Immunization in October 2020. Evidence presented at the meeting can be accessed at: www.who.int/immunization/sage/meetings/2020/october/presentations_background_docs/en/

Introduction

Safe and effective influenza vaccines are part of broader influenza prevention and control efforts, which also include non-pharmaceutical interventions (NPIs) (e.g., hand hygiene, physical distancing, respiratory hygiene/etiquette) and antivirals. The current WHO influenza vaccine policy, which is outlined in the 2012 WHO vaccine position paper,¹ identifies a number of risk groups for priority use of influenza vaccines, including

Recommandations du SAGE de l'OMS pour la vaccination contre la grippe saisonnière pendant la pandémie de COVID-19

Orientations provisoires, 21 septembre 2020

Ce document présente les recommandations provisoires pour la vaccination contre la grippe saisonnière pendant la pandémie de COVID-19. Il contient également des considérations programmatiques à l'intention des autorités nationales qui planifient et mènent leurs programmes de vaccination contre la grippe, ainsi que des considérations relatives à la recherche pour combler les lacunes actuelles dans les connaissances. Ces recommandations provisoires concernant l'utilisation des vaccins antigrippaux ont été discutées par le Groupe stratégique consultatif d'experts (SAGE) de l'OMS sur la vaccination en octobre 2020. Les éléments présentés lors de cette réunion peuvent être consultés à l'adresse: www.who.int/immunization/sage/meetings/2020/october/presentations_background_docs/en/

Introduction

Les vaccins antigrippaux efficaces et sans danger font partie de mesures plus globales de lutte contre la grippe, qui comprennent également des interventions non pharmaceutiques (par exemple, l'hygiène des mains, la distanciation physique, l'hygiène/les consignes sur le plan respiratoire) et des antiviraux. La politique actuelle de l'OMS en matière de vaccins antigrippaux, qui est présentée dans la note de synthèse de l'OMS concernant les vaccins antigrippaux de 2012,¹ iden-

¹ Vaccines against influenza WHO position paper—November 2012. Geneva, World Health Organization, 2012 (<https://www.who.int/wer/2012/wer8747.pdf?ua=1>, accessed September 2020).

¹ Note de synthèse de l'OMS concernant les vaccins antigrippaux – novembre 2012. Genève, Organisation mondiale de la Santé, 2012 (<https://www.who.int/wer/2012/wer8747.pdf?ua=1>, consulté en septembre 2020).

pregnant women as the highest priority, with other priority groups being children, older adults, individuals with underlying medical conditions, and health workers in no particular order.

Influenza transmission may have been altered by the range of NPIs currently in place for COVID-19 or the limited influenza importation into countries due to travel restrictions and border closures, as observed by the dramatic reduction in influenza detections during the 2020 Southern Hemisphere influenza season. However, NPIs and travel restrictions vary by country, and as they are lifted, influenza transmission could also increase, leading to potential co-circulation of influenza and SARS-CoV-2 and additional burden on vulnerable populations and health systems. In view of these considerations, there is a need to reconsider the prioritization of risk groups for influenza vaccination during the COVID-19 pandemic for the following reasons:

- To ensure optimal control of influenza among groups at high risk of severe COVID-19 disease as well as influenza illness. Treatment in health-care settings could increase the risk of exposure to SARS-CoV-2 and subsequent development of severe COVID-19;
- To decrease the potential for additive burden on health care systems from patients with influenza seeking medical care or being hospitalized;
- To reduce absenteeism among health workers and other care providers essential to the COVID-19 response; and
- To ensure optimal management and use of potentially limited seasonal influenza vaccines—across the world but especially in low- and middle-income countries— as supplies are prepared nearly a year in advance.

It is important to note that the suggested prioritization in this document should be considered along with the 2012 position paper, national policies, local epidemiology, and the potential for increased demand for influenza vaccines. The interim change in risk groups proposed in this paper is only meant to ensure optimal control of influenza during COVID-19 and should not negatively impact influenza vaccination programmes and coverage of existing target groups, which are based on the national policies and epidemiological situation for both influenza and COVID-19.

Recommendations

Based on the considerations above, WHO recommends the following prioritization of risk groups for seasonal influenza vaccination during COVID-19:

tifie un certain nombre de groupes à risque prioritaires pour recevoir ces vaccins: les femmes enceintes, qui sont les plus prioritaires, et les autres groupes prioritaires que sont les enfants, les personnes âgées, les personnes présentant de maladies sous-jacentes et les agents de santé, sans ordre particulier.

La transmission de la grippe peut avoir été modifiée par l'ensemble des interventions non pharmaceutiques actuellement en place pour la COVID-19 ou par l'importation limitée de la grippe dans les pays en raison des restrictions de voyage et des fermetures de frontières, en atteste la réduction spectaculaire des détections de cas de grippe pendant la saison grippale 2020 dans l'hémisphère Sud. Toutefois, les interventions non pharmaceutiques et les restrictions de voyage varient selon les pays et, à mesure qu'elles seront levées, la transmission de la grippe pourrait augmenter, ce qui entraînerait une cocirculation potentielle de la grippe et du SARS-CoV-2 et une charge supplémentaire pour les populations vulnérables et les systèmes de santé. Compte tenu de ces considérations, il est nécessaire de reconsidérer la priorité accordée aux groupes à risque pour la vaccination antigrippale pendant la pandémie de COVID-19 afin:

- d'assurer une lutte optimale contre la grippe parmi les groupes à haut risque de COVID-19 sévère et de grippe. Le traitement en établissement de santé pourrait augmenter le risque d'exposition au SARS-CoV-2 et de développement ultérieur d'une forme grave de COVID-19;
- de réduire l'éventuelle charge additionnelle sur les systèmes de santé due aux patients atteints de la grippe qui consultent ou qui sont hospitalisés;
- de réduire l'absentéisme parmi les agents de santé et les autres prestataires de soins essentiels à la réponse à la COVID-19; et
- d'assurer une gestion et une utilisation optimales des vaccins contre la grippe saisonnière potentiellement limités – dans le monde entier mais surtout dans les pays à revenu faible et intermédiaire – car les stocks sont préparés près d'un an à l'avance.

Il est important de noter que l'ordre de priorité suggéré dans le présent document doit être envisagé en tenant compte de la note de synthèse de 2012, des politiques nationales, de l'épidémiologie locale et d'une éventuelle demande accrue de vaccins antigrippaux. La modification provisoire des groupes à risque proposée dans le présent document vise uniquement à assurer une lutte optimale contre la grippe pendant la COVID-19 et ne doit pas avoir d'incidence négative sur les programmes de vaccination antigrippale et la couverture des groupes cibles existants, qui sont fondés sur les politiques nationales et la situation épidémiologique de la grippe et de la COVID-19.

Recommandations

Sur la base des considérations ci-dessus, le SAGE recommande de prioriser les groupes à risque pour la vaccination contre la grippe saisonnière pendant la COVID-19 comme suit:

Highest priority risk groups

- **Health workers:** Health workers, including care workers, in hospitals, long-term care facilities (e.g., nursing homes, residential facilities, etc.), and the community are recommended as one of the highest priority groups for receipt of influenza vaccines during COVID-19 to minimize: absenteeism due to influenza and disruption to the workforce, spread of influenza from care providers to vulnerable patients, and burden on the broader health system. Where supply of vaccine permits, influenza vaccination should be expanded to all workers in health care settings, including outpatient staff, and support staff (e.g., cleaning and security staff). If vaccine supply is insufficient for such staff, health workers should be prioritized based on risk of infection among themselves and among those for whom they care.²
- **Older adults:** Similar to influenza, COVID-19 severity is strongly associated with advanced age, and older adults are at much greater risk of severe disease and death than younger adults. This group is therefore recommended as one of the highest priority groups to receive influenza vaccine during the COVID-19 pandemic. While the 2012 position paper referred to adults over the age of 65 as being at higher risk of severe influenza, where supply permits, national authorities, including national immunization technical advisory groups (NITAGs), should carefully consider prioritizing older adults in long-term care facilities, in day-care hospitals or receiving home-care. Further, expanding this risk group to include adults over 50 years of age who area at higher risk of severe COVID-19 should be considered.

Additional risk groups, in no particular order

- **Pregnant women:** Pregnant women remain the highest priority group for influenza vaccination and, where supplies permit, should be prioritized to receive vaccine. Emerging data on infection with COVID-19 during pregnancy suggest a potential increased risk of severe COVID-19 disease in pregnant women, but data are still very limited; this will continue to be assessed as data emerge.

Groupes à risque les plus prioritaires

- **Agents de santé:** il est recommandé de considérer les agents de santé, y compris les soignants, dans les hôpitaux, les établissements de soins de longue durée (par exemple, les maisons médicalisées, les établissements résidentiels, etc.) et au sein de la communauté, comme des groupes prioritaires pour la vaccination antigrippale pendant la COVID-19 afin de réduire au minimum l'absentéisme dû à la grippe et la perturbation des effectifs, la propagation de la grippe des soignants aux patients vulnérables et la charge sur le système de santé en général. Lorsque l'approvisionnement en vaccins le permet, la vaccination contre la grippe devrait être étendue à l'ensemble du personnel des établissements de santé, y compris le personnel des services ambulatoires, et au personnel de soutien (par exemple, les personnels de nettoyage et de sécurité). Si l'approvisionnement en vaccins est insuffisant pour ces personnels, les agents de santé doivent être prioritaires en fonction du risque d'infection parmi eux et parmi les personnes dont ils s'occupent.²
- **Personnes âgées:** comme pour la grippe, la gravité de la COVID-19 est fortement associée à un âge avancé, et les personnes âgées courent un risque beaucoup plus élevé de développer une forme grave de la maladie et de décès que les jeunes adultes. Il est donc recommandé de considérer ce groupe comme l'un des plus prioritaires pour recevoir le vaccin antigrippal pendant la pandémie COVID-19. La note de synthèse de 2012 indiquait que les adultes âgés de plus de 65 ans étaient exposés à un risque plus élevé de développer une forme grave de grippe; ainsi, lorsque l'approvisionnement en vaccins le permet, les autorités nationales, y compris les groupes consultatifs techniques nationaux sur la vaccination (NITAG), doivent soigneusement envisager de donner la priorité aux adultes âgés pris en charge dans les établissements de soins de longue durée ou dans les hôpitaux de jour, ou qui reçoivent des soins à domicile. En outre, il faudrait envisager d'élargir ce groupe à risque pour inclure les adultes âgés de plus de 50 ans qui présentent un risque plus élevé de développer une forme grave de COVID-19.

Autres groupes à risque, sans ordre de priorité particulier

- **Femmes enceintes:** les femmes enceintes restent le groupe le plus prioritaire pour la vaccination contre la grippe; lorsque l'approvisionnement en vaccins le permet, elles doivent être prioritaires pour recevoir le vaccin. Les données émergentes sur l'infection par le virus responsable de la COVID-19 pendant la grossesse suggèrent un risque potentiellement accru de développer une forme grave de COVID-19 chez les femmes enceintes, mais les données sont encore très limitées; ce risque continuera d'être évalué au fur et à mesure de l'émergence des données.

² How to implement seasonal influenza vaccination of health workers: An introduction manual for national immunization programme managers and policy makers. Geneva, World Health Organization, 2019 (https://www.who.int/immunization/documents/ISBN_9789241515597/en/, accessed September 2020).

² How to implement seasonal influenza vaccination of health workers: An introduction manual for national immunization programme managers and policy makers. Genève, Organisation mondiale de la Santé, 2019 (https://www.who.int/immunization/documents/ISBN_9789241515597/en/, consulté en septembre 2020).

- **Individuals with underlying health conditions:** An additional risk-group, also identified in the 2012 position paper, are individuals with underlying health conditions, such as individuals living with diabetes, hypertension, HIV/AIDS, asthma and other chronic heart- or lung diseases. Because these populations are likely at a higher risk of COVID-19 severe illness, individuals with underlying health conditions, where they can be identified, should continue to be prioritized for influenza vaccination to protect them against influenza and also to minimize their risk of SARS-CoV-2 infection through seeking treatment for influenza and hospital admissions for influenza, which could further stress the health care system.
- **Children:** Although current data indicate that children, particularly those aged less than 5 years, are not at increased risk of severe COVID-19, children remain a priority group for influenza vaccination because of their risk of severe influenza, particularly those aged 6–59 months. Countries that have procured specific formulations of influenza vaccines targeted for use in children (e.g., live attenuated influenza vaccines) should continue these.

Programmatic considerations

When implementing their national influenza vaccination programmes during the COVID-19 pandemic, national authorities should carefully consider the following:

- Due to envisaged influenza vaccine supply shortages, which may extend to the 2021-2022 influenza season, the ability to procure influenza vaccines, especially for countries which have no established influenza programme in place, may be challenging. As such, governments, especially those of low- and middle-income countries, are encouraged to promote and strengthen efforts for sustainable supply or production of influenza vaccines.
- For countries that do not have an existing platform for immunization of health workers or older adults, establishing such a platform to deliver influenza vaccines will likely benefit planning for future immunization of these populations with COVID-19 vaccines.
- For countries with an existing platform, the COVID-19 pandemic affords an opportunity to strengthen their influenza programme beyond the pandemic and establish a pathway for adult vaccination programmes.
- National influenza vaccination programmes should be based on national policies and the influenza and COVID-19 epidemiological situation. Once risk assessments are conducted, national authorities may identify other relevant populations and

- **Personnes présentant des maladies sous-jacentes:** un autre groupe à risque, également identifié dans la note de synthèse de 2012, est constitué par les personnes présentant des maladies sous-jacentes, comme les personnes atteintes de diabète, d'hypertension, du VIH/sida, d'asthme et d'autres maladies cardiaques ou pulmonaires chroniques. Comme ces populations sont probablement davantage exposées au risque de développer une forme grave de COVID-19, ces personnes, lorsqu'elles peuvent être identifiées, doivent continuer à être prioritaires pour la vaccination antigrippale afin de les protéger contre la grippe et de réduire au minimum leur risque d'infection par le SARS-CoV-2 lorsqu'elles consultent pour une grippe ou qu'elles sont hospitalisées pour la grippe, ce qui pourrait mettre davantage sous pression le système de santé.
- **Enfants:** bien que les données actuelles indiquent que les enfants, en particulier ceux âgés de moins de 5 ans, ne sont pas exposés à un risque accru de développer une forme grave de COVID-19, les enfants restent un groupe prioritaire pour la vaccination contre la grippe en raison de leur risque de développer une grippe sévère, surtout les enfants âgés de 6 mois à 2 ans. Les pays qui ont acheté des formulations spécifiques de vaccins antigrippaux destinés aux enfants (par exemple, des vaccins antigrippaux vivants atténués) doivent continuer à les utiliser.

Considérations programmatiques

Lors de la mise en œuvre de leurs programmes nationaux de vaccination contre la grippe pendant la pandémie COVID-19, les autorités nationales doivent tenir compte des points suivants:

- En raison des ruptures de stock de vaccins antigrippaux auxquelles on peut s'attendre, qui pourraient s'étendre jusqu'à la saison grippale 2021-2022, l'achat de vaccins antigrippaux, en particulier pour les pays qui n'ont pas de programme de lutte contre la grippe bien établi, pourrait se révéler difficile. De ce fait, les gouvernements, en particulier ceux des pays à revenu faible et intermédiaire, sont encouragés à promouvoir et à renforcer les efforts visant à assurer un approvisionnement ou une production durables de vaccins antigrippaux.
- Pour les pays qui ne disposent pas d'une plateforme pour la vaccination des agents de santé ou des personnes âgées, la mise en place d'une telle plateforme pour administrer les vaccins antigrippaux sera probablement bénéfique pour la planification de la future vaccination de ces populations avec les vaccins contre la COVID-19.
- Pour les pays disposant d'une plateforme, la pandémie de COVID-19 offre l'occasion de renforcer leur programme de lutte contre la grippe au-delà de la pandémie et de mettre en place des programmes de vaccination des adultes.
- Les programmes nationaux de vaccination contre la grippe doivent être basés sur les politiques nationales et la situation épidémiologique de la grippe et de la COVID-19. Une fois les évaluations des risques réalisées, les autorités nationales pourront identifier d'autres populations et

settings, which might include indigenous populations and ethnic minorities as well as individuals in institutional settings, that would benefit from seasonal influenza vaccination. However, priority should be given to the risk groups (i.e. health workers, older adults, individuals with underlying health conditions, pregnant women and children) to ensure equity among the additional populations and settings identified.

- The conduct of routine influenza vaccination for all groups needs to take into account the risk of increasing exposure to COVID-19. Appropriate NPIs should be adopted to minimize the risk of COVID-19 infection.³

Research considerations

- COVID-19 vaccine developers should be encouraged to evaluate concomitant use of COVID-19 vaccines with influenza vaccines, and other vaccines administered in the priority groups outlined above, such as pneumococcal vaccines, to inform future policy. National regulatory authorities are also encouraged to monitor the concomitant impact of these interventions.
- Studies capturing data on the impact of co-infection with influenza and COVID-19 disease and risk of pneumococcal disease with or post COVID-19 would be valuable. ■

³ Maintaining essential health services: operational guidance for the COVID-19 context. Geneva, World Health Organization, 2020 (<https://www.who.int/publications/i/item/covid-19-operational-guidance-for-maintaining-essential-health-services-during-an-outbreak>, accessed September 2020).

milieux à vacciner, qui peuvent comprendre des populations autochtones et des minorités ethniques ainsi que des personnes en milieu institutionnel, qui pourraient bénéficier de la vaccination contre la grippe saisonnière. Toutefois, la priorité doit être accordée aux groupes à risque (c'est-à-dire les agents de santé, les personnes âgées, les personnes présentant des maladies sous-jacentes, les femmes enceintes et les enfants) afin de garantir l'équité entre les autres populations et milieux identifiés.

- La conduite de la vaccination systématique contre la grippe pour tous les groupes doit tenir compte du risque d'exposition croissante à la COVID-19. Des interventions non pharmaceutiques appropriées doivent être adoptées pour réduire au minimum le risque d'infection par le virus responsable de la COVID-19.³

Considérations relatives à la recherche

- Les concepteurs de vaccins contre la COVID-19 doivent être encouragés à évaluer l'utilisation concomitante des vaccins contre la COVID-19 et des vaccins antigrippaux et d'autres vaccins administrés aux groupes prioritaires décrits ci-dessus, tels que les vaccins antipneumococques, afin d'éclairer la politique future. Les autorités nationales de réglementation sont également encouragées à surveiller l'impact conjugué de ces interventions.
- Il serait utile de mener des études pour recueillir des données sur l'impact d'une co-infection par le virus grippal et le virus de la COVID-19 et sur le risque de maladie pneumococcique chez les personnes atteintes de COVID-19 ou ayant précédemment contracté la COVID-19. ■

³ Maintenir les services de santé essentiels: orientations de mise en œuvre dans le cadre de la COVID-19. Genève, Organisation mondiale de la Santé, 2020 (<https://www.who.int/publications/i/item/covid-19-operational-guidance-for-maintaining-essential-health-services-during-an-outbreak>, consulté en septembre 2020).

How to obtain the WER through the Internet

- (1) WHO WWW server: Use WWW navigation software to connect to the WER pages at the following address: <http://www.who.int/wer/>
- (2) An e-mail subscription service exists, which provides by electronic mail the table of contents of the WER, together with other short epidemiological bulletins. To subscribe, send a message to listserv@who.int. The subject field should be left blank and the body of the message should contain only the line subscribe wer-reh. A request for confirmation will be sent in reply.

Comment accéder au REH sur Internet?

- 1) Par le serveur Web de l'OMS: A l'aide de votre logiciel de navigation WWW, connectez-vous à la page d'accueil du REH à l'adresse suivante: <http://www.who.int/wer/>
- 2) Il existe également un service d'abonnement permettant de recevoir chaque semaine par courrier électronique la table des matières du REH ainsi que d'autres bulletins épidémiologiques. Pour vous abonner, merci d'envoyer un message à listserv@who.int en laissant vide le champ du sujet. Le texte lui-même ne devra contenir que la phrase suivante: subscribe wer-reh. Une demande de confirmation vous sera envoyée en retour.

www.who.int/wer

Email • send message **subscribe wer-reh** to listserv@who.int

Content management & production • wantzc@who.int or werreh@who.int

www.who.int/wer

Email • envoyer message **subscribe wer-reh** à listserv@who.int

Gestion du contenu & production • wantzc@who.int or werreh@who.int

WHO web sites on infectious diseases – Sites internet de l'OMS sur les maladies infectieuses

Avian influenza	https://www.who.int/influenza/human_animal_interface	Grippe aviaire
Buruli ulcer	http://www.who.int/buruli	Ulcère de Buruli
Child and adolescent health and development	http://www.who.int/child_adolescent_health	Santé et développement des enfants et des adolescents
Cholera	http://www.who.int/cholera	Choléra
COVID-19	https://www.who.int/emergencies/diseases/novel-coronavirus-2019	Maladie à coronavirus 2019 (COVID-19)
Dengue	http://www.who.int/denguecontrol	Dengue
Ebola virus disease	https://www.who.int/health-topics/ebola/#tab=tab_1	Maladie à virus Ebola
Emergencies	https://www.who.int/emergencies	Situations d'urgence sanitaire
Epidemic and pandemic diseases	https://www.who.int/emergencies/diseases	Maladies épidémiques et pandémiques
Eradication/elimination programmes	http://www.who.int/topics/infectious_diseases	Programmes d'éradication/élimination
Fact sheets on infectious diseases	http://www.who.int/topics/infectious_diseases/factsheets	Aide-mémoires sur les maladies infectieuses
Filariais	http://www.filariosis.org	Filiariose
Global Foodborne Infections Network (GFN)	http://www.who.int/gfn	Réseau mondial d'infections d'origine alimentaire
Global Health Observatory (GHO) data	https://www.who.int/gho	Données de l'Observatoire de la santé mondiale
Global Influenza Surveillance and Response System (GISRS)	https://www.who.int/influenza/gisrs_laboratory	Système mondial de surveillance et d'intervention en cas de grippe (GISRS)
Global Outbreak Alert and Response Network (GOARN)	https://www.who.int/ihr/alert_and_response/outbreak-network/en/	Réseau mondial d'alerte et d'action en cas d'épidémie (GOARN)
Health topics	http://www.who.int/topics/en	La santé de A à Z
Human African trypanosomiasis	http://www.who.int/trypanosomiasis_african	Trypanosomiase humaine africaine
Immunization, Vaccines and Biologicals	http://www.who.int/immunization	Vaccination, Vaccins et Biologiques
Influenza	https://www.who.int/influenza	Grippe
International Health Regulations	http://www.who.int/ihr	Règlement sanitaire international
International travel and health	http://www.who.int/ith	Voyages internationaux et santé
Leishmaniasis	http://www.who.int/leishmaniasis	Leishmaniose
Leprosy	http://www.who.int/lep	Lèpre
Lymphatic filariasis	http://www.who.int/lymphatic_filariais	Filiariose lymphatique
Malaria	http://www.who.int/malaria	Paludisme
Middle East respiratory syndrome coronavirus (MERS-CoV)	https://www.who.int/emergencies/mers-cov	Coronavirus du syndrome respiratoire du Moyen-Orient (MERS-CoV)
Neglected tropical diseases	http://www.who.int/neglected_diseases	Maladies tropicales négligées
Onchocerciasis	http://www.who.int/onchocerciasis	Onchocercose
OpenWHO	https://openwho.org/	OpenWHO
Outbreak news	http://www.who.int/csr/don	Flambées d'épidémies
Poliomyelitis	http://www.polioeradication.org	Poliomyélite
Rabies	http://www.who.int/rabies	Rage
Schistosomiasis	http://www.who.int/schistosomiasis	Schistosomiase
Smallpox	http://www.who.int/csr/disease/smallpox	Variole
Soil-transmitted helminthiasis	http://www.who.int/intestinal_worms	Géohelminthiases
Trachoma	http://www.who.int/trachoma	Trachome
Tropical disease research	http://www.who.int/tdr	Recherche sur les maladies tropicales
Tuberculosis	http://www.who.int/tb and/et http://www.stoptb.org	Tuberculose
Weekly Epidemiological Record	http://www.who.int/wer	Relevé épidémiologique hebdomadaire
WHO Lyon Office for National Epidemic Preparedness and Response	http://www.who.int/ihr/lyon	Bureau OMS de Lyon pour la préparation et la réponse des pays aux épidémies
WHO Pesticide Evaluation Scheme (WHOPES)	https://www.who.int/whopes/resources	Schéma OMS d'évaluation des pesticides
Yellow fever	http://www.who.int/csr/disease/yellowfev	Fièvre jaune
Zika virus disease	https://www.who.int/emergencies/diseases/zika	Maladie à virus Zika